

Figure 1 : Alignment of the BASB110 polynucleotide sequences.

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

* 20 *

Seqid1 : ATGACTGTGACGATAGCAATCAATTCACAA : 30

Seqid3 : : 30

40 * 60

Seqid1 : AATCAAAAACCCATCAAGCGATTGGGCTTG : 60

Seqid3 : : 60

* 80 *

Seqid1 : ATTTTGGTGTGATCACCCTTGCATTTTG : 90

Seqid3 : : 90

100 * 120

Seqid1 : GCAGGATGTGCCAGTAAGCCAACCTATAAT : 120

Seqid3 : : 120

* 140 *

Seqid1 : AGTACCTCAGGTTCGGGCAGTCATCGTACT : 150

Seqid3 : : 150

160 * 180

Seqid1 : TCAGGTTTCAGGTGGTTTGGCAATAGGTTCA : 180

Seqid3 : : 180

205050-90281001

* 200 *

Seqid1 : CAGGTTATCACGGACAGTCAGGGCGTACCA : 210

Seqid3 : : 210

220 * 240

Seqid1 : AATCGCTATCAGGTGAAGCAGGGCGATACT : 240

Seqid3 : : 240

* 260 *

Seqid1 : GTCAGTAAGATTGCTCAGCGTTATGGATTA : 270

Seqid3 : : 270

280 * 300

Seqid1 : AATTGGCGTGAGATTGGACACATTAATAAT : 300

Seqid3 : : 300

* 320 *

Seqid1 : CTAAATAGCAGTTATACGATTTATACAGGT : 330

Seqid3 :G..... : 330

340 * 360

Seqid1 : CAATGGCTGACTTTATGGTCAGGTGATCTC : 360

Seqid3 : : 360

* 380 *

Seqid1 : AAGGTGCGTGAGCGTAGTATCAGCTCTGGT : 390

Seqid3 : : 390

400 * 420
Seqid1 : GTGAATACAGCTCACACACCTTCGCCTGTG : 420
Seqid3 : : 420

* 440 *
Seqid1 : GCGGTTCAAGTCAAGCAGACCACAGTACAG : 450
Seqid3 : : 450

460 * 480
Seqid1 : CAGCATCCTGCCGTACAAAAACCCACGCCA : 480
Seqid3 : : 480

* 500 *
Seqid1 : CCTGTTGTTGTGGTAAAAAACCCACACCG : 510
Seqid3 : : 510

520 * 540
Seqid1 : ACTCCGCCTGTGGTTCAGCAGCCAGCACCA : 540
Seqid3 : : 540

* 560 *
Seqid1 : GTTGCCCCACCAAGTGACAGAAGCACCATTT : 570
Seqid3 : : 570

580 * 600
Seqid1 : GCCACGGGTAGCTCAGGGGTGATGCAATTT : 600
Seqid3 : : 600

Seqid1 : CGCTATCCTGTTGGTGGCGACCAATCCAGTG : 630
Seqid3 : : 630

Seqid1 : GTTCGACGCTTTGGTACGGCGACAGTGGCC : 660
Seqid3 : : 660

Seqid1 : GGCTCAACTGTTACCAGTAATGGCATGTGG : 690
Seqid3 : : 690

Seqid1 : TTTTCTGGACGAGATGGCGATTTAATTAAC : 720
Seqid3 : : 720

Seqid1 : GCCAGTAATGCAGGCACAGTCATTCAAGCT : 750
Seqid3 : : 750

Seqid1 : GATCACAATATGGACGGGGCGAGTATTGTG : 780
Seqid3 : : 780

2050E0" 90/8700F

```

                                *           800           *
Seqid1  :  ATTCAGCATACCAATGGATTTGTTTCAAGC  :  810
Seqid3  :  .....                               :  810

```

```

      820          *          840
Seqid1  : TATATCCATATTAAGGACGCTCAAGTTAAA : 840
Seqid3  : ..... : 840

```

```

                                *           860           *
Seqid1  :  ACAGGCGATACGGTGC GTACCGGTCAGCGT  :  870
Seqid3  :  .....                               :  870

```

```

      880          *          900
Seqid1  :  ATTGCAAGCATGAAAAATCAGCCAAGCGGT  :  900
Seqid3  :  ..... :  900

```

```

*          920          *
Seqid1  :  GCGGCACTATTTGAATTTAGAATTTCTAGA  :  930
Seqid3  :  .....                               :  930

```

```

          940          *          960
Seqid1  : AATGGCGTGTATGTTGATCCATTGACAGTA : 960
Seqid3  : ..... : 960

```

```
Seqid1  : CTTAAATAG  : 969
Seqid3  : .....---  : 966
```

[illegible]

Figure 2 : Alignment of the BASB110 polypeptide sequences.

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

```

                *           20           *
Seqid2 :  MTVTIAINSQNQKPIKRLGLIFGVITTCIL : 30
Seqid4 :  ..... : 30

                40           *           60
Seqid2 :  AGCASKPTYNSTSGSGSHRTSGSGGLAIGS : 60
Seqid4 :  ..... : 60

                *           80           *
Seqid2 :  QVITDSQGVPNRYQVKQGD TVSKIAQRYGL : 90
Seqid4 :  ..... : 90

                100           *           120
Seqid2 :  NWREIGHINN LNSSYTIYTGQWLT LWSGDL : 120
Seqid4 :  .....G..... : 120

                *           140           *
Seqid2 :  KVRERSISSGVNTAHTPSPVAVQSSRPPVQ : 150
Seqid4 :  ..... : 150

                160           *           180
Seqid2 :  QHPAVQKPTPPVVVVKKPTPTPPVVQQPAP : 180
Seqid4 :  ..... : 180

```

* 200 *

Seqid2 : VAPPVTEAPFATGSSGVMQFRYPVGATNPV : 210

Seqid4 : : 210

220 * 240

Seqid2 : VRRFGTATVAGSTVTSNGMWFSGRDGD LIN : 240

Seqid4 : : 240

* 260 *

Seqid2 : ASNAGTVIQADHNMDGASIVIQHTNGFVSS : 270

Seqid4 : : 270

280 * 300

Seqid2 : YIHIKDAQVKTGDTVRTGQRIASMKNQPSG : 300

Seqid4 : : 300

* 320

Seqid2 : AALFEFRISRNGVYVDPLTVLK : 322

Seqid4 : : 322

2050E0 9048T00F

Figure 3-A : Coomassie stained SDS-polyacrylamide gel of purified BASB110

Figure 3-B: Western-blotting of purified BASB110 (anti-His antibody).

Figure 3-A Figure 3-B

